

## Exhibit A

Table 7

Lines 251096 - 253839

GAM NAME SEQUENCE	GAM RNA	TARGET REF-ID	TARGET	UTR	TARGET BS-SEQ (UPPER: GAM; LOWER: TARGET)	BINDING-SITE	DRAW	GAM POS	
=====	=====	=====	=====	==	=====	=====	=====	==	
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABCC3	NM_020037.1	3	TACCTGCACTGTC CTGACCATCGCAC	AAA GTGC CACG ---	----- TCA AGT CTACC CCT	--- TAGTGCAGGTA GTCACGTCCAT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABCD4	NM_020326.2	3	CTACCTGCAGCCG AAGTACGCA	AAA GTGCT CATGA ACG	CATAG TGCAGGTAG ACGTCCATC AGCCG		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABL1	NM_007313.1	3	CTGCCTGCACTCC CTGGCCTTG	A AAG TTC G	T GCT CGG - TCCC	CAT- AGTGCAGGTAG TCACGTCCGTC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ABL1	NM_007313.1	3	CTGCCTGCACTCC CTGGCCTTGCCCG T	A----- AAG TTC TGCCCG	T GCT CGG - TCCC	CAT- AGTGCAGGTAG TCACGTCCGTC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ACADVL	NM_000018.1	3	TGCCTGCTCTCAA GAGCACTTACTGC C	A----- AAGTGCTC TTCACGAG CCGTCA	AT- AG TC AAC	T GCAGGTA CGTCCGT T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ADAT1	NM_012091.2	3	AGGCCCTGTAATCC CAGCACTTT TTTACGA	CATAG AAAGTGCT TTTACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG GA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ADAT1	NM_012091.2	3	GGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG G		A

GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY1	NM_021116.1	3	ATGCCCTGTAAGCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCGA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY1	NM_021116.1	3	TGCCCTGTAAGCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY1	NM_021116.1	3	TGTTTGCACTATA	GCTC	GG	A
	AGTGCAGGTAG			CTTT	AAAGT	ATAGTGCA TA	
					TTTCA	TATCACGT GT	
					----	TT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY6	NM_015270.2	5	CTACCTGCCAGGG A	T	ATAGT	A
	AGTGCAGGTAG			CCTTC	AAG GCTC	GCAGGTAG	
					TTC CGGG	CGTCCATC	
					C -	AC---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY6	NM_020983.2	3	TACCTGCATCCCC	AA-----	CATA	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTGGTCCTG	AGTGCT	GTGCAGGTA	
					TCACGA	TACGTCCAT	
					GTCCCTGG	CCCC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADCY7	NM_001114.1	3	TTACCTGCAGGTA	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			TTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTAG	
					TTTTATGG	ACGTCCATT	
					-----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B	NM_000676.2	3	ACACCTGTAATTC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCTTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B	NM_000676.2	3	CACCTGTAATTCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCTTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B	NM_000676.2	3	CTGCCCTCTTTGA A	T	TGC	A
	AGTGCAGGTAG			GCATTTC	AAAGTGCTCA	AG	AGGTAG

					TTCACGAGT TC TCCGTC		
				C	- TC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADORA2B NM_000676.2	3	CTGCCCTCCTTGA A-----	T TGC		A	
	AGTGCAGGTAG		GCACITCCCTGG	AAAGTGCTCA AG AGGTAG			
				TTCACGAGT TC TCCGTC			
			GGTCCC	- TC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT ADSL NM_000026.1	3	TTACCTTAAATTA	CA-- GC-		A	
	AGTGCAGGTAG		GTACAGCACTTT	AAAGTGCT TAGT AGGTAG			
				TTTCACGA ATTA TCCATT			
				CATG AAT			
GAM3298	AAAGTGCTCAT AICDA NM_020661.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG AG		A	
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT			
				TTTCACGA ATGTCCG			
				CCCTA CA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT AICDA NM_020661.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG A		A	
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT			
				TTTCACGA ATGTCCG			
				CCCTA C			
GAM3298	AAAGTGCTCAT AK1 NM_000476.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG G		A	
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT			
				TTTCACGA ATGTCCGT			
				CCCTA A			
GAM3298	AAAGTGCTCAT AK1 NM_000476.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A	
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT			
				TTTCACGA ATGTCCGT			
				CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT ALDH3A2 NM_000382.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG G		A	
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT			
				TTTCACGA ATGTCCGT			
				CCCTA A			
GAM3298	AAAGTGCTCAT ALDH3A2 NM_000382.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A	
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT			
				TTTCACGA ATGTCCGT			
				CCCTA			

GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALDH3B1 NM_000694.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALDH3B1 NM_000694.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALDH8A1 NM_022568.2	3	TGCCTATAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	C TG AGGT AT TCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALPP NM_001632.2	3	TGTTTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	GG TGCA TA ATGT GT TT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALX3 NM_006492.1	3	TGCCTGCACTCCC AGCATGCCATGCA	AAA----- GTGCT TACGA ACGTACCG	CAT AGTGCAGTA TCACGTCCGT CCC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALX4 NM_021926.1	3	GGCCTGACCCCTCA GCACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA CTCC	G A GT CAGGT CA GTCCG - G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	ALX4 NM_021926.1	3	GGCCTGACCCCTC AGCACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA CTCC	G AG GT CAGGT CA GTCCG - GG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	APOL1 NM_003661.2	3	ATGCCGTGTAATCC GAGCACTTT	ATAG AAAGTGCTC TTTCACGAG CCTA	G TGCAGGTA ATGTCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AGTGCAGGTAG	APOL1 NM_145343.1	3	TGCCTGTAATCCG AGCACTTT	ATAG AAAGTGCTC TTTCACGAG CCTA	TGCAGGTA ATGTCCGT	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT APP AGTGCAGGTAG	NM_000484.1	3	ATCCCTGTCATT GTAAGCACTTT	C AAAGTGCT ATAGTG CAGG TTTCACGA TGTTAC GTCC A TT CTA	TA A
GAM3298	AAAGTGCTCAT APP AGTGCAGGTAG	NM_000484.1	3	TCCCTGTCATTG TAAGCACTTT	C AAAGTGCT ATAGTG CAGG TTTCACGA TGTTAC GTCC A TT CT	TA A
GAM3298	AAAGTGCTCAT AQP6 AGTGCAGGTAG	NM_053286.1	5	CTGCCACTGCACT TAGCACTTT	CAT AAAGTGCT AGTGCA GGTAG TTTCACGA TCACGT CCGTC T-- CA	-- A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF6 AGTGCAGGTAG	NM_004840.1	3	TACCTGCAAGCCT CTTAGTACTTAA	A-- AAGTGCT TGCAGTA TTCATGA ACGTCCAT TAA TTCTCCGA	CATAG--- A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF7 AGTGCAGGTAG	NM_003899.2	3	ATACCTGCAGAGA TACACTTC	A AAGTG CTC TGCAGTA TTCAC GAG ACGTCCAT C ATA ---- A	ATAG G A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF7 AGTGCAGGTAG	NM_003899.2	3	TATCCTGTAGATG TGAAGCACTTT	- G- AAAGTGCT CATA TGCAGG TTTCACGA GTGT ATGTCC A AG TAT	TAG A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ARHGEF7 AGTGCAGGTAG	NM_145735.1	3	TCCCTCGCTCAG GGAGCACTTT	ATAG- AAAGTGCTC TGCAGG TTTCACGAG GCGTCT GGACT CCT	TAG A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ASB1 AGTGCAGGTAG	NM_016114.3	3	CTCCCTGCACTCT GGCTCTTT	T T T T AAAG GC CA AGTGCAGG AG TTTC CG GT TCACGTCC TC T - C C	T A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ASB1 AGTGCAGGTAG	NM_016114.3	3	TTTCCGCTAAGC ACTTT	CA T A TAG AAAGTGCT TAG GC GG	TAG A

				TTTCACGA	ATC	CG	CC	
				--	-	-	TTT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ASTN	XM_045113.2	3	ATGCCAGGCGGTG	--	-	A-	G A
	AGTGCAGGTAG			ATGTAAGCACTTT	AAAGTGCT	CAT	AGTGC	GGTA
					TTTCACGA	GTA	TCGCG	CCGT
					AT	G	GA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATF5	NM_012068.2	3	ATGCTTGTAATCC	CATAG		G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTTCGT		
					CCCTA		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATF5	NM_012068.2	3	TGCTTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTTCGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATM	NM_000051.2	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG		AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA		CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATM	NM_000051.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG		A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA		C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATP1A2	NM_000702.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG		G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ATP1A2	NM_000702.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT B3GALT5	NM_006057.1	3	CCACTGCCCCAGG	ATAGT	GTA		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTC	GCAG		
					TTTCACGAG	CGTC		
					GACCC	ACC		

GAM3298	AAAGTGCTCAT BCAS1	NM_003657.1	3	CGCCTGTAATCTC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCGG	
					CTCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCAS1	NM_003657.1	3	TCGCCGTGTAATCT	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCGG	
					CTCTA	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL11B	NM_022898.1	3	CTACCTGCAGATC	AA -	ATAG---	A
	AGTGCAGGTAG			CAGGGGCTGCTGT	AGT GCTC	TGCAGGTAG	
					TCG CGGG	ACGTCCATC	
					TG T	GACCTAG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L10	NM_020396.2	3	CTACCTGCCCAAC	AA GC-	---	A
	AGTGCAGGTAG			TGTGACCACTAA	AGT TCATAGT	GCAGGTAG	
					TCA AGTGTC	CGTCCATC	
					AA ACC	ACC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L10	NM_020396.2	3	CTACCTGCCCAAC	AA- GC-	---	A
	AGTGCAGGTAG			TGTGACCACTAA	AGT TCATAGT	GCAGGTAG	
				A	TCA AGTGTC	CGTCCATC	
					AAA ACC	ACC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L2	NM_004050.2	3	CTGCCCTGTGTGCC	AA	TAGT-	A
	AGTGCAGGTAG			TGAGCACTGA	AGTGCTCA	GCAGGTAG	
					TCACGAGT	TGTCCGTC	
					AG	CCTGG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BCL2L2	NM_004050.2	3	CTGCCCTGTGTGCC	AA-----	TAGT-	A
	AGTGCAGGTAG			TGAGCACTGATCA	AGTGCTCA	GCAGGTAG	
				GC	TCACGAGT	TGTCCGTC	
					CGACTAG	CCTGG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BHMT2	NM_017614.3	3	ACACCTGCAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ACGTCCA	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BHMT2	NM_017614.3	3	CACCTGCAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ACGTCCA	
					CCCTA	C	

GAM3298	AAAGTGCTCAT BIG1	NM_006421.2	3	CTTCCTGCACGTG	TGCTC	T	A
	AGTGCAGGTAG			TTTCTTT	AAAG	ATAGTGCAGG AG	
					TTTC	TGTCACGTCC TC	
					TTT--	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BRCA1	NM_007299.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BRCA1	NM_007301.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BSCL2	NM_032667.2	3	CTCCTCACATTCC	CATA-	C T	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	GTG AGG AG	
					TTTCACGA	CAC TCC TC	
					CCTTA	- -	
GAM3298	AAAGTGCTCAT BTK	NM_000061.1	5	CTACCTGCATTAA	AAAG	-----	A
	AGTGCAGGTAG			GTCAGGACTGAGC	TGCTCA	TAGTGCAGGTA	
				A	ACGAGT	ATTACGTCCAT	
					----	CAGGACTGA	
					G		
					C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT Clorf6	NM_020131.1	3	CTATTCTGGTTCA	CAT	--- -	A
	AGTGCAGGTAG			TTTCAGCACTTT	AAAGTGCT	AGTG CAGG TAG	
					TTTCACGA	TTAC GTCT ATC	
					C--	TTG T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT C21orf5	NM_005128.1	3	ACACCTGTAATCT	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CTCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT C21orf5	NM_005128.1	3	CACCTGTAATCTC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	



					CTCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CARD4 AGTGCAGGTAG	NM_006092.1	3	CTTCCTTCTCAGC ACTTT	CAT TGC T AAAGTGCT AG AGG AG TTTCACGA TC TCC TC C-- T-- T		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CARL AGTGCAGGTAG	NM_013276.1	3	CGCCTGTAAATCC CAGCACITT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CC		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CARL AGTGCAGGTAG	NM_013276.1	3	CGCCTGTAAATCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CASP2 AGTGCAGGTAG	NM_032984.1	3	TTACCTGCACACC AAA GAGTCACGGA	- ATA GTG CTC GTGCAGGTAG CAC GAG CAGGTCCATT AGG T CCA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CASP6 AGTGCAGGTAG	NM_032992.1	3	ACACCTGTAAATCC CAGCACITT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CASP6 AGTGCAGGTAG	NM_032992.1	3	CACCTGTAAATCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA C		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CCBP2 AGTGCAGGTAG	NM_001296.2	5	CTGCCCTCTCTGCA AA AAGTTGAGCACTA C	TAG- ---- AGTGCTCA TGCA GGTAG TCACGAGT ACGT CCGTC CA TGAA CTCT		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CCBP2 AGTGCAGGTAG	NM_001296.2	5	CTGCCCTCTCTGCA AA----- AAGTTGAGCACTA CAGGAC	TAG- ---- AGTGCTCA TGCA GGT TCACGAGT ACGT CCG CAGGACA TGAA CTCT		A

TC

GAM3298	AAAGTGCTCAT CCNK AGTGCAGGTAG	NM_085179.4	3	GTCCTGCACTGGG TTACTTT	CT A AAAGTG C TAGTGCAGG TTTCAT G GTCACGTCC TG - TG	TA A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD28 AGTGCAGGTAG	NM_006139.1	3	ATGCTTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTTCGT CCCTA A	G A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD28 AGTGCAGGTAG	NM_006139.1	3	TGCTTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTTCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD2AP AGTGCAGGTAG	NM_012120.1	3	TTGCTTGCACTAT AAA AGGAGTCATAAA	- -- GTG CTC ATAGTGCAGGTAG TAC GAG TATCACGTTCCGT AAA T GA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD2AP AGTGCAGGTAG	NM_012120.1	3	TTGCTTGCACTAT AAA-- AGGAGTCATAAAA G	- -- GTG CTC ATAGTGCAGGTAG TAC GAG TATCACGTTCCGT GAAAA T GA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD68 AGTGCAGGTAG	NM_001251.1	3	ATGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	G A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD68 AGTGCAGGTAG	NM_001251.1	3	TGCCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CD74 AGTGCAGGTAG	NM_004355.1	3	TTACCTGCAGGCT AA GAGCCACTCT	- TAG AGTG CTCA TGCAGGTAG TCAC GAGT ACGTCCATT TC C CGG	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT CD74	NM_004355.1	3	TTACCTGCAGGCT AA----	-	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			GAGCCACTCTCTT	AGTG	CTCA	TGCAGGTAG
				C	TCAC	GAGT	ACGTCCATT
				CTTCTC	C	CGG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CFL2	NM_021914.4	3	ACACTATGCATT	CA	-	AG
	AGTGCAGGTAG			AAAGCACTTT	AAAGTGCT	TAGTGCA	GGT
					TTTCACGA	ATTACGT	TCA
					AA	A	CA
GAM3298	AAAGTGCTCAT CFL2	NM_021914.4	3	CACTATGCATTAA	CA	-	A
	AGTGCAGGTAG			AAGCACTTT	AAAGTGCT	TAGTGCA	GGT
					TTTCACGA	ATTACGT	TCA
					AA	A	C
GAM3298	AAAGTGCTCAT CIAS1	NM_004895.2	3	TTAGTCAITCAA	CAT---	C	G
	AGTGCAGGTAG			TAAAGCACTTT	AAAGTGCT	AGTG	AG TAG
					TTTCACGA	TTAC	TC ATT
					AATAAC	-	G
GAM3298	AAAGTGCTCAT CLTCL1	NM_001835.1	3	CTACCTGCAGAGT AA-----	-	ATAG	A
	AGTGCAGGTAG			TACTAACTCTCC	AGTG	CTC	TGCAGGTA
				A	TCAT	GAG	ACGTCCAT
				ACCTCTTCAA	T	----	
				G			
				C			
GAM3298	AAAGTGCTCAT CLTCL1	NM_007098.1	3	CTACCTGCAGAGT AA	-	ATAG	A
	AGTGCAGGTAG			TACTAA	AGTG	CTC	TGCAGGTAG
					TCAT	GAG	ACGTCCATC
				AA	T	----	
GAM3298	AAAGTGCTCAT COG4	NM_015386.1	3	CTGCCTGGATGAG AAA	AGTG		A
	AGTGCAGGTAG			CACACC	GTGCTCAT	CAGGTAG	
					CACGAGTA	GTCCGTC	
				CCA	G---		
GAM3298	AAAGTGCTCAT COG7	NM_153603.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	

GAM3298	AAAGTGCTCAT COG7 AGTGCAGGTAG	NM_153603.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCOG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT COPA AGTGCAGGTAG	NM_004371.2	3	ATACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCCAT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT COPA AGTGCAGGTAG	NM_004371.2	3	TACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGTA ATGTCCAT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT COX10 AGTGCAGGTAG	NM_001303.2	3	TTACCTGCAGCTT TTTAGTCCTTT	TG CAT- - AAAG CT AG TTTC GA TC CT TTTT G	TGCAGGTAG ACGTCCATT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CRACC AGTGCAGGTAG	NM_021181.3	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CRACC AGTGCAGGTAG	NM_021181.3	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CREB1 AGTGCAGGTAG	NM_004379.2	3	ACGCCGTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCOG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CREB1 AGTGCAGGTAG	NM_004379.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCOG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT CRSP9 AGTGCAGGTAG	NM_004270.3	3	TCCCTGCACTAAG AAGAATCACTTT	C---- A AAAGTG TC	TA TAGTGCAGG	A

					TTTCAC	AG	ATCACGTCC	
					TAAGA	A	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CUBN	NM_001081.2	3	CCCCCTGTAATTCT	CAT	TAG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	AGTGCAGG		
					TTTCACGA	TTATGTCC		
					CTC	CCC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT CX3CR1	NM_001337.2	3	TTACGATGGCACC	A	A--	AG--	A
	AGTGCAGGTAG			CAGTGAGCACTCC	A	AGTGCTCAT	GTGC GTAG	
					C	TCACGAGTG	CACG CATT	
					C	ACC	GTAG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CYBB	NM_000397.2	3	CTATGTTTTTGAG	A	T	AG	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTC	TAG GC	GTAG	
					TTTCACGAG	GTT TG	TATC	
					A	T	G-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT CYP4F3	NM_000896.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT CYP4F3	NM_000896.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT DAPP1	NM_014395.1	3	CTACTAATAATAG	A	A	GTGCA	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTG	AAGTGCTC	TA	GGTAG	
					TTTCACGAG	AT	TCATC	
					G	-	AATTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT	NM_001918.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCTA-	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT	NM_001918.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT AGTGCAGGTAG	NM_001918.1	3	CGCCTGTAATCCA GCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCTA-	A TGCAGGT ATGTCGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DBT AGTGCAGGTAG	NM_001918.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DCLRE1C AGTGCAGGTAG	NM_022487.1	3	ACACTTGTAATCC CAGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTTCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DCLRE1C AGTGCAGGTAG	NM_022487.1	3	CACTTGTAATCCC AGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTTCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DDOST AGTGCAGGTAG	NM_005216.2	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCGGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DDOST AGTGCAGGTAG	NM_005216.2	3	TGCCTGTAATCCC AGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DDX9 AGTGCAGGTAG	NM_030588.1	5	CTACCTGCTTTCC AGAGCCCTTT	T ATAGT- AAAG GCTC TTTC CGAG - ACCTTT	GCAGGTAG CGTCCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DMC1 AGTGCAGGTAG	NM_007068.2	3	ACACCTGTAATCC CAGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT DMC1 AGTGCAGGTAG	NM_007068.2	3	CACCTGTAATCCC AGCACCTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT DNAJB9	NM_012328.1	3	CTACCTGCCCTTG AA -- T T	A
	AGTGCAGGTAG			GGCTCACTAA AGT GCTCA AG GCAGGTAG	
				TCA CGGGT TC CGTCCATC	
				AA CT - C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DNAJB9	NM_012328.1	3	CTACCTGCCCTTG AA---- -- T T	A
	AGTGCAGGTAG			GGCTCACTAATAT AGT GCTCA AG GCAGGTAG	
				C TCA CGGGT TC CGTCCATC	
				CTATAA CT - C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DNASE2	NM_001375.1	3	ACATCTGTAACCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCTA	
				CCCCA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DNASE2	NM_001375.1	3	CATCTGTAACCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCTA	
				CCCCA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DVL3	NM_004423.2	3	ACGCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCTG	
				CCCTA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT DVL3	NM_004423.2	3	CGTCTGTAATCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCTG	
				CCCTA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EGFL5	XM_098838.2	3	ACGCCGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCCG	
				CCCTA CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EGFL5	XM_098838.2	3	CGCCTGTAATCCC CATAG A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	
				TTTCACGA ATGTCCG	
				CCCTA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EHHADH	NM_001966.1	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT	

					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT EHHADH	NM_001966.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT EIF2C1	NM_012199.2	3	ATACTTAAGGCAC	A	T	---	G
	AGTGCAGGTAG			TATGGCACTTA	AAGTGC	CATAGTC	AGGTA	
					TTCACG	GTATCACG	TTCAT	
					A	-	GAA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT EIF2C1	NM_012199.2	3	TACTTAAGGCACT	A-----	T	---	A
	AGTGCAGGTAG			ATGGCACTTAGCT		AAGTGC	CATAGTC	AGGTA
				TTG		TTCACG	GTATCACG	TTCAT
					GTTCGA	-	GAA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT EPB41L2	NM_001431.1	3	CTACCTGCTTTTA	C-	AGT--		A
	AGTGCAGGTAG			ATGACTCACTTT	AAAGTG	TCAT	GCAGGTAG	
					TTTCAC	AGTA	CGTCCATC	
					TC	ATTTT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ERBB3	NM_001982.1	3	ATGCCCTGTAATCT	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CTCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT ERBB3	NM_001982.1	3	TGCCCTGTAATCTC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CTCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT EVA1	NM_005797.2	3	CTCCTTCCTAAAG	A-	TGC	T	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTC	TAG	AGG AG	
					TTTCACGAG	ATC	TCC TC	
					AA	CT-	-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2R	NM_001992.2	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		



GAM3298	AAAGTGCTCAT F2R AGTGCAGGTAG	NM_001992.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	ACACCTGCAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ACGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	ACGCCGTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCGG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	CACCTGCAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ACGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT F2RL3 AGTGCAGGTAG	NM_003950.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FADD AGTGCAGGTAG	NM_003824.2	3	CTTCCTCACTATG AA ACACTGA	C AGTG TCATAGTG TCAC AGTATCAC AG -	C T AGG AG TCC TC - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCA AGTGCAGGTAG	NM_000135.1	3	CTGCCCTGCACTGG AAA AACCCACAGA	CTCA- GTG CAC AGA	TAGTGCAGGTAG GTCACGTCCTGC CCAAG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCC AGTGCAGGTAG	NM_000136.1	3	ACACCTGIGATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT GTGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCC AGTGCAGGTAG	NM_000136.1	3	CACCTGTGATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT GTGTCCA C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	ATGCTTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTTCGT	
					TCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FANCD2	NM_033084.2	3	TGCTTGTAATCCT	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTTCGT	
					TCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR1	NM_023108.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR1	NM_023108.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR2	NM_022973.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGFR2	NM_022973.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
					TTTCACGA	ATGTCCGT	
					CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FGR	NM_005248.1	5	TGCCTGTATGAGC	AAA-----	-----	A
	AGTGCAGGTAG			GTATGAGCAITG	GTGCTCATA	GTGCAGGT	

				CATGC		TACGAGTAT	TATGTCCG	
						CGTACGTG	GCGAG	
						A		
						T		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FKR AGTGCAGGTAG	NM_024301.1	3	ACGCGTGTATCC CAGCACITT		CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FKR AGTGCAGGTAG	NM_024301.1	3	CGCGTGTATCCC AGCACTTT		CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FLG AGTGCAGGTAG	NM_048104.1	5	CTACCGGTGAGC ACTCA	A	AGTGCA A AGTGCTCAT A TCACGAGTG C	GGTAG CCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FLRT2 AGTGCAGGTAG	NM_013231.2	3	CTACCTGCACACC CACCAGAAGAGCA C	AAA GTGCTC CACGAG ---	ATA----- GTGCTC CACGAG AAGACCAACCA	GTGCAGGTAG CACGTCCATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FMR2 AGTGCAGGTAG	NM_002025.1	3	ATCCCTGCAGCTG AACCCAGCACTTT	CA--- AAAGTGCT TTTCACGA CCCA	- TAG TGCAGG GTC ACGTCC G	TAG CTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FOXI1 AGTGCAGGTAG	NM_144769.1	3	TTACCTGCAGACA CTCC	A A AGTG TC C TCAC AG C	C ATAG TGCAGGTAG ACGTCCATT ----		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FRDA AGTGCAGGTAG	NM_000144.3	3	CACCTGTATCCC AGCACTTT		CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT FRDA	NM_181425.1	3	ACACCTGTATCC		CATAG	AG	A

	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGT ATGTCCA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUS1 AGTGCAGGTAG	NM_007275.1	3	AGCCCTGCTAGAG GCTACAGCACTTT	CA AAAGTGCT TTTCACGA C-	----- TAG TAGT GCAGG ATCG CGTCC GAGAT CGA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT3 AGTGCAGGTAG	NM_000149.1	3	ACGCCCTGTAATTC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCTTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT3 AGTGCAGGTAG	NM_000149.1	3	CGCCTGTAATTC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCTTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT6 AGTGCAGGTAG	NM_000150.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FUT6 AGTGCAGGTAG	NM_000150.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT FXD6 AGTGCAGGTAG	NM_022003.1	3	GGACCTGGGAAGG TTTGCAGCACTTT	- TAGTG--- AAAGTGCT CA TTTCACGA GT C TTGGAAGG	AG CAGGT GTCCA GG	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT G2A AGTGCAGGTAG	NM_013345.2	3	AGCCTGTCTATCC CAGCACTTT	CATA - AAAGTGCT GTG TTTCACGA TAC CCC- T	AG CAGGT GTCCG CA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT G2A AGTGCAGGTAG	NM_013345.2	3	CGCCTGTCTATCCC AGCACTTT	CATA - AAAGTGCT GTG TTTCACGA TAC CCC- T	A CAGGT GTCCG C	A	

GAM3298	AAAGTGCTCAT GABPB1 AGTGCAGGTAG	NM_016654.1	3	GATTTCCACATGA AAGCATT	-- A C A AAAGTGC TCAT GTG AGGT TTTCACG AGTA CAC TTTA AA - C G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GALNT7 AGTGCAGGTAG	NM_054110.2	3	ATGCGCTGTAATTC CAGCATT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCTTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GALNT7 AGTGCAGGTAG	NM_054110.2	3	TGCCTGTAATTC AGCATT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCTTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GGCX AGTGCAGGTAG	NM_000821.2	3	TTACCTGCATTAT AA TACATTAG	CTC AGTG ATAGTGCAGGTAG TTAC TATTACGTCCATT GA AT-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GGCX AGTGCAGGTAG	NM_000821.2	3	TTACCTGCATTAT AA----- TACATTAGGCTGA G	CTC AGTG ATAGTGCAGGTAG TTAC TATTACGTCCATT GAGTCGGA AT-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GL01 AGTGCAGGTAG	NM_006708.1	3	GTGCTTGTA CTGC TAGAAGCACATT	- A-- G AAAGTGCT C TAGTGCAGGTA TTTCACGA G GTCATGTCGT A ATC G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GL01 AGTGCAGGTAG	NM_006708.1	3	TGCTTGTA CTGCT AGAAGCACATT	- A-- AAAGTGCT C TAGTGCAGGTA TTTCACGA G GTCATGTCGT A ATC	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GNE AGTGCAGGTAG	NM_005476.2	3	ACGCGCTGTAATCC CAGCATT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GNE AGTGCAGGTAG	NM_005476.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCATT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT	A

					TTTCACGA	ATGTCGG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT GP1BA AGTGCAGGTAG	NM_000173.1	3	TTATCAGGATGTG AGCACTCG	A A AGTGCTCATA G TCACGAGTGT C	GTGCA GGTAG CTATT AGGA-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPR1 AGTGCAGGTAG	NM_005279.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	AG TGCAGGT ATGTCCA CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPR1 AGTGCAGGTAG	NM_005279.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	A TGCAGGT ATGTCCA CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPR6 AGTGCAGGTAG	NM_005284.2	3	CTGCTTAATTATA GCACTTT	C GC AAAGTGCT ATAGT TTTCACGA TATTA	AGGTAG TTCGTC A-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPRK7 AGTGCAGGTAG	NM_139209.1	3	ATGCCTGCAATTC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	G TGCAGGT ACGTCCGT CCTTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GPRK7 AGTGCAGGTAG	NM_139209.1	3	TGCCTGCAATTCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	TGCAGGT ACGTCCGT CCTTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GRM6 AGTGCAGGTAG	NM_000843.2	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	AG TGCAGGT ATGTCCA CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT GRM6 AGTGCAGGTAG	NM_000843.2	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	A TGCAGGT ATGTCCA CCCTA C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT GYG AGTGCAGGTAG	NM_004130.2	3	TTACCTGCAGTGG AAA T AG CACCGT GTGC CAT TGCAGGTAG CACG GTG ACGTCCATT TCC - --	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HADHSC AGTGCAGGTAG	NM_005327.1	3	CTACCTGCAGCTT A T T - TGAGTCTTG AAG GCTCA AG TGCAGGTAG TTC TGAGT TC ACGTCCATC G - T G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HADHSC AGTGCAGGTAG	NM_005327.1	3	CTACCTGCAGCTT A----- T T - TGAGTCTTGCCCT AAG GCTCA AG TGCAGGTAG A TTC TGAGT TC ACGTCCATC ATCCCG - T G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HIP1 AGTGCAGGTAG	NM_005338.3	3	ACGCCCTGTAATCC CATAG AG CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HIP1 AGTGCAGGTAG	NM_005338.3	3	CGCCTGTAATCCC CATAG A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HLCS AGTGCAGGTAG	NM_000411.3	3	CTACCTGCTATAG AAA C GT CACACT GTGCT ATA GCAGGTAG CACGA TAT CGTCCATC TCA - --	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HLCS AGTGCAGGTAG	NM_000411.3	3	CTACCTGCTATAG AAA----- C GT CACACTCTCCGAT GTGCT ATA GCAGGTAG T CACGA TAT CGTCCATC TTAGCCTCTCA - --	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HM13 AGTGCAGGTAG	NM_178582.1	3	ATGCCCTGTAATCC CATAG G CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT HM13 AGTGCAGGTAG	NM_178582.1	3	TGCCTGTAATCCC CATAG AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT HPRT1	NM_000194.1	3	TTATTGCACTAT	AA T		A
	AGTGCAGGTAG			GAGCCTAT	AG GCTCATAGTCAGGTAG		
					TC CGAGTATCACGTTTATT		
					TA -		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HPRT1	NM_000194.1	3	TTATTGCACTAT	AA----- T		A
	AGTGCAGGTAG			GAGCCTATAGACT	AG GCTCATAGTCAGGTAG		
				A	TC CGAGTATCACGTTTATT		
					ATCAGATA -		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HSD17B2	NM_002153.1	5	AGCAAGTCACTGA	---- - AG A		A
	AGTGCAGGTAG			GAATGAGCACTTT	AAAGTGCTCAT AGTG C GT		
					TTTCACGAGTA TCAC G CG		
					AGAG T AA A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HUNK	NM_014586.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
					TTTCACGA ATGTCCA		
					CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT HUNK	NM_014586.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
					TTTCACGA ATGTCCA		
					CCCTA C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFIT4	NM_001549.2	3	ATGCCTGTAATCC	CATAG G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGTA		
					TTTCACGA ATGTCCGT		
					CCCTA A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFIT4	NM_001549.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGTA		
					TTTCACGA ATGTCCGT		
					CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFNARI	NM_000629.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
					TTTCACGA ATGTCCA		
					CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IFNARI	NM_000629.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		



					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IL10	NM_000572.2	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IL10	NM_000572.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IL12RB2	NM_001559.2	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IL12RB2	NM_001559.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT IL6R	NM_181359.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					TCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT IL6R	NM_181359.1	3	CGCCTGTAATCCT	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					TCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT INPP5B	XM_300739.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT INPP5B	XM_300739.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA			

GAM3298	AAAGTGCTCAT IPP AGTGCAGGTAG	NM_005897.1	3	ACGCCTGTAGTCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTG	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IPP AGTGCAGGTAG	NM_005897.1	3	CGCCTGTAGTCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTG	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IPP AGTGCAGGTAG	NM_005897.1	3	TGCCTATAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	C TG AGGTA AT TCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK1 AGTGCAGGTAG	NM_001569.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK1 AGTGCAGGTAG	NM_001569.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK4 AGTGCAGGTAG	NM_016123.1	3	ATACCTGTAAATC CCAGCACTTT	CATAG- AAAGTGCT TTTCACGA CCCTAA	G TGCAGGTA ATGTCCAT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT IRAK4 AGTGCAGGTAG	NM_016123.1	3	TACCTGTAAATCC CAGCACTTT	CATAG- AAAGTGCT TTTCACGA CCCTAA	TGCAGGTA ATGTCCAT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITGAL AGTGCAGGTAG	NM_002209.1	3	ACGCCTGTAAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITGAL AGTGCAGGTAG	NM_002209.1	3	CGCCTGTAAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT ITK AGTGCAGGTAG	NM_005546.3	3	CTACTCTGGCTTG A AGCACTTC	T G - AAGTGCTCA AGT CAG GTAG TTCACGAGT TCG GTC CATC C - - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITK AGTGCAGGTAG	NM_005546.3	3	CTACTCTGGCTTG A----- AGCACTTCTATAT	T G - AAGTGCTCA AGT CAG GTAG TTCACGAGT TCG GTC CATC TATATC - - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITPKB AGTGCAGGTAG	NM_002221.1	3	GAACTGCACTACA AGACACTTT	- CA GTA AAAGTG CT TAGTGCAG TTTCAC GA ATCAAGTC A AC AAG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ITS2 AGTGCAGGTAG	NM_147152.1	3	CTATCCTTATTCG AGTAGCACTTT	CAT-- C - AAAGTGCT AGTG AGG TAG TTTCACGA TTAT TCC ATC TGAGC - T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT JPH2 AGTGCAGGTAG	NM_020433.3	5	CTGCCTGCACTCA GTTCTCA	A T CAT A AG GCT AGTGCAGGTAG A TC TGA TCACGTCCGTC C T C--	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KAI1 AGTGCAGGTAG	NM_002231.2	3	AGCCTGTAAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KAI1 AGTGCAGGTAG	NM_002231.2	3	AGCCTGTAAATCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNA7 AGTGCAGGTAG	NM_031886.2	3	ATGCCTGTAAACCC CAGCACTTT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCCA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNA7 AGTGCAGGTAG	NM_031886.2	3	TGCCTGTAAACCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA	A

					TTTCACGA	ATGTCGGT		
					CCCCA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNMAL	NM_002247.2	3	CTTGCTGIGTGAA	-----	GT	TAG	A
	AGTGCAGGTAG			TTGACAAGCACTT	AAAGTGC	TCATA	GCAGG	
				T	TTTCACG	AGTGT	CGTTC	
					AACAGTTA	GT	---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT KCNS2	NM_043106.3	3	CTACCTGCTAATT A	T- TAGT---			A
	AGTGCAGGTAG			CTTGCCCGCATTTT	AAAGTGC	CA	GCAGGTAG	
					TTTACG	GT	CGTCCATC	
				C	CC	TCTTAAT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIF1B	NM_015074.1	3	CTCCTTGTCACGC	CATAGT	T		A
	AGTGCAGGTAG			ACTTT	AAAGTGCT	GCAGG	AG	
					TTTCACGA	TGTTT	TC	
					CC----	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIF3B	NM_004798.2	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGTTA		
					TTTCACGA	ATGTCGGT		
					TCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIF3B	NM_004798.2	3	TGCCTGTAATCCT	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGTTA		
					TTTCACGA	ATGTCGGT		
					TCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT KIR2DL3	NM_014511.1	3	CTCCTGCCCATGA AAA	AGT	T		A
	AGTGCAGGTAG			GCACCAC	GTGTCAT	GCAGG	AG	
					CACGAGTA	CGTCC	TC	
					CAC	CC-	-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT KRTHB6	NM_002284.2	3	CTGCCCTGCACTCT AA	CAT			A
	AGTGCAGGTAG			AAGCGCTCT	AGTGCT	AGTGCAGGTAG		
					TCGCGA	TCACGTCGGT		
				TC	ATC			
GAM3298	AAAGTGCTCAT KRTHB6	NM_002284.2	3	CTGCCCTGCACTCT AA-----	CAT			A
	AGTGCAGGTAG			AAGCGCTCTCCCC	AGTGCT	AGTGCAGGTAG		
				A	TCGCGA	TCACGTCGGT		
					ACCCCTC	ATC		

GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMC2	NM_018891.1	3	ACGCCTGTAATTC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					TCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMC2	NM_018891.1	3	CGCCTGTAATCT	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					TCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMP2	NM_013995.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LAMP2	NM_013995.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LDLR	NM_000527.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LDLR	NM_000527.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LEP	NM_000230.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LEP	NM_000230.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT LGTN	NM_006893.1	3	GGCTGGTAATTTT	----	A A	A
	AGTGCAGGTAG			TATGAGCATTTT	AAAGTGCTCATAG	TGC GGT	
					TTTACGAGTATT	ATG TCG	
					TTTA	G G	

GAM3298	AAAGTGCTCAT LHX2 AGTGCAGGTAG	NM_004789.3	3	CTACCTGCAACAC A AACATTG AAGTG TGCAGGTAG TTTAC ACGTCCATC G AACACA-	CTCATAG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LHX2 AGTGCAGGTAG	NM_004789.3	3	CTACCTGCAACAC A----- AACATTGTGTCA AAGTG TGCAGGTAG C TTTAC ACGTCCATC CACTGTG AACACA-	CTCATAG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LIF AGTGCAGGTAG	NM_002309.2	3	TCCCTGTGCTCT CAT-- - TA CTAAGCACTTT AAAGTGCT AGTG CAGG TTTCACGA TCGC GTCC AICTC T CT		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LILRB1 AGTGCAGGTAG	NM_006669.2	3	ACGCCGTGTAATTC CATAG AG CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCTTA CA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LILRB1 AGTGCAGGTAG	NM_006669.2	3	CGCCTGTAATTC CATAG A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCTTA C		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LIMD1 AGTGCAGGTAG	NM_014240.1	3	CTACCTGCCTCCT TCA T-- GGTGTAATTT AAAGTGC TAG GCAGGTAG TTTTATG GTC CGTCCATC TGC CTC		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LIMK1 AGTGCAGGTAG	NM_016735.1	3	CTGCCCCGCACCA G T A A- TGGACTTT AAAGT C CAT GTGC GGTAG TTTCA G GTA CACG CCGTC - - C CC		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LRR2 AGTGCAGGTAG	NM_024750.2	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT LRR2 AGTGCAGGTAG	NM_024750.2	3	CACCTGTAATCCC CATAG A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT		A

					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT LUZP1	NM_033631.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT LUZP1	NM_033631.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAFF	NM_012323.2	3	CATCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCTA		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAFF	NM_152878.1	3	ACATCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCTA		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAGEA4	NM_002362.3	5	TTGCCTGCACTCT	AA T	TCAT		A
	AGTGCAGGTAG			TGCCTGC	AG GC	AGTGCAGGTAG		
					TC CG	TCACGTCCGTT		
					CG - TTC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAP3K8	NM_005204.2	5	GACACTGCACTGA	TA	- A		A
	AGTGCAGGTAG			GCACCTTT	AAAGTGCTCA	GTGCAG GT		
					TTTCACGAGT	CACGTC CA		
					--	A G		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAP3K8	NM_005204.2	5	TGACACTGCACTG	TA	- AG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCTCA	GTGCAG GT		
					TTTCACGAGT	CACGTC CA		
					--	A GT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAP4K5	NM_006575.2	3	AAACTGCACTATG	GC-	GTA		A
	AGTGCAGGTAG			ATTTGCTTT	AAAGT	TCATAGTGCAG		
					TTTCG	AGTATCACGTC		
					TTT	AAA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT MAPK9 AGTGCAGGTAG	NM_139069.1	3	GACTTGCCCATCT AGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTTCACGA TCTACC	A GCAGGT CGTTCA G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MAPK9 AGTGCAGGTAG	NM_139069.1	3	GGACTTGCCCATC TAGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTTCACGA TCTACC	AG GCAGGT CGTTCA GG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MCM4 AGTGCAGGTAG	XM_030274.6	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MCM4 AGTGCAGGTAG	XM_030274.6	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MECP2 AGTGCAGGTAG	NM_004992.2	3	TTATTGCACTAT TGAGTCTTC	A T - AAG GCTCA TAGTGCAGGTAG TTC TGAGT ATCACGTTTATT C - T		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MECP2 AGTGCAGGTAG	NM_004992.2	3	TTATTGCACTAT TGAGTCTTCATGT T	A----- T - AAG GCTCA TAGTGCAGGTAG TTC TGAGT ATCACGTTTATT TTGTAC - T		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	NM_178176.2	3	GTGCCTGTGATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA GTGTCCGT G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	NM_178176.2	3	TGCCTGTGATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGTA GTGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	XM_294343.2	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGTA ATGTCCGT A	A



GAM3298	AAAGTGCTCAT MGAT3 AGTGCAGGTAG	NM_294343.2	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MICA AGTGCAGGTAG	NM_000247.1	3	CTGCCCTGGATCTC ACGAGCACTTT	AT- - G AAAGTGCT AG T CAGGTAG TTTCACGAG TC A GTCCGTC CAC T G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MICB AGTGCAGGTAG	NM_005931.2	3	CTGCCCTGGATCTC ACCAGCACTTT	CATA-- G AAAGTGCT GT CAGGTAG TTTCACGA TA GTCCGTC CCACTC G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MNT AGTGCAGGTAG	NM_020310.1	3	CTGCTGCACTAGG A ACTTG	G CAT G AAGT CT AGTGCAG TAG TTCA GA TCACGTC GTC G G --- -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MOG AGTGCAGGTAG	NM_002433.1	3	ACGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MOG AGTGCAGGTAG	NM_002433.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MRE11A AGTGCAGGTAG	NM_005591.2	3	CTGCCCTCATATAG CACITT	C G C AAAGTGCT ATA TG AGGTAG TTTCACGA TAT AC TCCGTC - - -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MSH3 AGTGCAGGTAG	NM_002439.1	3	ATGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT MSH3 AGTGCAGGTAG	NM_002439.1	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA	A

					TTTCACGA	ATGTCGGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	MTNR1A	NM_005958.2	3	ACACCTGTAATCT	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CTCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	MTNR1A	NM_005958.2	3	CACCTGTAATCTC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CTCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	MVP	NM_017458.2	5	CTACCTGCACCTC	A - CAT		A
	AGTGCAGGTAG				TAGATGCTCC	A AGTG CT	AGTGCAGGTAG	
						C TCGT GA	TCAGTCCATC	
						C A TCT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	MYH9	NM_002473.2	3	CACCTGCACAGGT	CATA	A	A
	AGTGCAGGTAG				ATTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGT	
						TTTTATGG	CACGTCCA	
						A---	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	MYH9	NM_002473.2	3	CCACCTGCACAGG	CATA	AG	A
	AGTGCAGGTAG				TATTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGT	
						TTTTATGG	CACGTCCA	
						A---	CC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	NCOA3	NM_006534.1	3	CTACCAGAACTAA	CA	GCA	A
	AGTGCAGGTAG				GCACCTT	AAAGTGCT	TAGT GGTAG	
						TTTCACGA	ATCA CCATC	
						--	AGA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	NDRG2	NM_016250.1	3	TTGGCTGCACATA	GCTCA	G	A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGT	TAGTCGAG TAG	
						TTTCA	ATCACGTC GTT	
						-----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	NEDD4L	NM_015277.2	3	TACCTGCACAGTT	TGC	TA--	A
	AGTGCAGGTAG				TGATTCCTT	AAAG	TCA GTGCAGGTA	
						TTTC	AGT CACGTCCAT	
						TT-	TTGA	

GAM3298	AAAGTGCTCAT NFATC3	NM_173164.1	3	ACGCCCTGTATCCC	CATA	AG	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGT	
					TTTCACGA	TATGTCCG	
					CCC-	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT NFATC3	NM_173164.1	3	CGCCTGTATCCCA	CATA	A	A
	AGTGCAGGTAG			GCACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGT	
					TTTCACGA	TATGTCCG	
					CCC-	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT NKTR	NM_005385.2	3	ATACCTGCACTGT A	G	----	G
	AGTGCAGGTAG			CTCTGAGGACTTA	AAGT CTCA	TAGTGCAGGTA	
					TTCA GAGT	GTCACTCCAT	
					A G CTCT	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT NKTR	NM_005385.2	3	TACCTGCACTGTC A-	G	----	A
	AGTGCAGGTAG			TCTGAGGACTTAC	AAGT CTCA	TAGTGCAGGTA	
					TTCA GAGT	GTCACTCCAT	
					CA G CTCT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT NQ01	NM_000903.1	3	CTACCTGCCTAAG A	G	A T	A
	AGTGCAGGTAG			GGACTTA	AAGT CTC TAG	GCAGGTAG	
					TTCA GGG ATC	CGTCCATC	
					A - A -		
GAM3298	AAAGTGCTCAT NQ01	NM_000903.1	3	CTACCTGCCTAAG A-----	G	A T	A
	AGTGCAGGTAG			GGACTTAACTTGT	AAGT CTC TAG	GCAGGTAG	
				T	TTCA GGG ATC	CGTCCATC	
					TTGTTCAA	- A -	
GAM3298	AAAGTGCTCAT NR4A2	NM_006186.2	3	CTCCCTGGAAATA	--	GTG- T	A
	AGTGCAGGTAG			ACTGAGCACTTT	AAAGTGCTCA	TA CAGG AG	
					TTTCACGAGT	AT GTCC TC	
					CA AAAG	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT NT5C2	NM_012229.2	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT NT5C2	NM_012229.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	

GAM3298	AAAGTGCTCAT NXF5 AGTGCAGGTAG	NM_033152.1	5	ATGCCGTATATGT AGTAGCACTTT	---- G A G AAAGTGCT CATA TGC GSTA TTTCACGA GTAT ATG CCGT TGAT - - A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT OPTN AGTGCAGGTAG	NM_021980.2	3	ATGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT OPTN AGTGCAGGTAG	NM_021980.2	3	TGCCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGGTA TTTCACGA ATGTCCGT CCCTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT P2RX7 AGTGCAGGTAG	NM_002562.3	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT P2RX7 AGTGCAGGTAG	NM_002562.3	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X AGTGCAGGTAG	NM_032967.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X AGTGCAGGTAG	NM_032967.1	3	ACGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AG AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCG CCCTA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X AGTGCAGGTAG	NM_032967.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11X AGTGCAGGTAG	NM_032967.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG A AAAGTGCT TGCAGGT	A

				TTTCACGA	ATGTCCG		
				CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032971.1	3	TACCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
				TTTCACGA	ATGTCCAT		
				CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032972.1	3	ACGCCCTGTAATTC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
				TTTCACGA	ATGTCCG		
				CCTTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032972.1	3	ATACCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
				TTTCACGA	ATGTCCAT		
				CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDH11Y NM_032972.1	3	CGCCTGTAATCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
				TTTCACGA	ATGTCCG		
				CCTTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHAL NM_031411.1	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G		A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTTCACGA	CATGTCTAT		
				----	G		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHAL NM_031411.1	3	TATCTGTACAGCA	CATA			A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTTCACGA	CATGTCTAT		
				----			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHAL0 NM_018901.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G		A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTTCACGA	CATGTCTAT		
				----	G		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHAL0 NM_018901.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA			A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA		
				TTTCACGA	CATGTCTAT		
				----			

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA11 NM_018902.3	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA11 NM_018902.3	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA12 NM_018903.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA12 NM_018903.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA13 NM_018904.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA13 NM_018904.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA2 NM_018905.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA2 NM_018905.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA3 NM_018906.2	3	GTATCTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTG	
				TTTCACGA	CATGTCTAT	
				----	G	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA3	NM_018906.2	3	TATCTGTACAGCA CTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA4	NM_018907.2	3	GTAATCTGTACAGC ACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	G GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA4	NM_018907.2	3	TATCTGTACAGCA CTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA5	NM_018908.2	3	GTAATCTGTACAGC ACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	G GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA5	NM_018908.2	3	TATCTGTACAGCA CTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA6	NM_018909.2	3	TATCTGTACAGCA CTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA6	NM_031849.1	3	GTAATCTGTACAGC ACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	G GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA7	NM_018910.2	3	GTAATCTGTACAGC ACTTT	CATA AAAGTGCT TTTCACGA	G GTGCAGGTA CATGTCTAT	A
	AGTGCAGGTAG				----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHA7	NM_018910.2	3	TATCTGTACAGCA CTTT	CATA AAAGTGCT	GTGCAGGTA	A
	AGTGCAGGTAG						

					TTTCACGA	CATGTCCTAT		
					----			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDH8	NM_018911.2	3	GTAICTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDH8	NM_018911.2	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDH9	NM_031857.1	3	GTAICTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDH9	NM_031857.1	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC1	NM_018898.3	3	GTAICTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC1	NM_018898.3	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC2	NM_018899.3	3	GTAICTGTACAGC	CATA	G	A
	AGTGCAGGTAG				ACTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	PCDHAC2	NM_018899.3	3	TATCTGTACAGCA	CATA		A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGTGCT	GTGCAGGTA	
						TTTCACGA	CATGTCCTAT	
						----		



GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHB9 NM_019119.3	3	ATTCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TAG TGCAGG ATGTCC TTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHB9 NM_019119.3	3	TTCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TA TGCAGG ATGTCC TT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_018912.2	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_018913.2	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_032092.1	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA1 NM_003735.2	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA2 NM_018915.2	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA3 NM_018916.3	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA4 NM_018917.2	3	TTACCTGCACCCA GGCCTCA	A T A AG GCT A TC CGG C -	CATA GTGCAGGTAG CACGTCCATT ACC-	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA5 NM_018918.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA6 NM_018919.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA7 NM_018920.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA8 NM_032088.1	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGA9 NM_018921.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB1 NM_018922.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB2 NM_018923.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB3 NM_018924.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG A TC CGG CACGTCCATT C - ACC-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB4 NM_003736.2	3	TTACCTGCACCCA	A T CATA	A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT GTGCAGGTAG	

					A TC CGG	CACGTCCATT	
					C - ACC-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB5 NM_018925.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C - ACC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB6 NM_018926.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C - ACC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGB7 NM_018927.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C - ACC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGC3 NM_002588.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C - ACC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGC4 NM_018928.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C - ACC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PCDHGC5 NM_018929.2	3	TTACCTGCACCCA	A T	CATA		A
	AGTGCAGGTAG		GGCCTCA	A AG GCT	GTGCAGGTAG		
				A TC CGG	CACGTCCATT		
				C - ACC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PDE7A NM_002604.1	3	ATACTTGTAACCC		CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
				TTTCACGA	ATGTTCAT		
				CCCA-	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PDL2 NM_025239.2	3	ATGCCTTTTGATG	----	AGTGC	G	A
	AGTGCAGGTAG		ACCCAGCACTTT	AAAGTGC	TCAT	AGGTA	
				TTTCACG	AGTA	TCCGT	
				ACCC	GGTT-	A	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PIK3R2	NM_005027.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTAA	
					TTTCACGA	ATGTCCCGT	
					CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PIK3R2	NM_005027.1	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTAA	
					TTTCACGA	ATGTCCCGT	
					CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKD1	NM_000296.1	3	CTGCTCTGCTGTG	-----	T	GT
	AGTGCAGGTAG			GGCTTCAGCACTT	AAAGTGCT	CATAG	GCAG
				T	TTTCACGA	GTGTC	TGTC
					CTTCGG	-	TG
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKHD1	NM_138694.2	3	AACATACACTATA	C	CAG	A
	AGTGCAGGTAG			GCACCTTT	AAAGTGCT	ATAGTG	GT
					TTTCACGA	TATCAC	CA
					-	ATA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKHD1	NM_138694.2	3	CAACATACACTAT	C	CAG	AG
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	ATAGTG	GT
					TTTCACGA	TATCAC	CA
					-	ATA	AC
GAM3298	AAAGTGCTCAT PKHD1	NM_138694.2	3	TTACCTGCACATG	TGCT	A	
	AGTGCAGGTAG			CTTTCTTT	AAAG	CAT	GTGCAGGTAG
					TTTC	GTA	CACGTCCATT
					TTTC	-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLA2G4B	NM_005090.1	3	CTACCTTGAGTAG	A	ATAG	---
	AGTGCAGGTAG			TTGGAGCACTTG	AAGTGCTC	TGC	AGGTAG
					TTTCACGAG	ATG	TCCATC
					G	GTTG	AGT
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLA2G4B	NM_005090.1	3	CTACCTTGAGTAG	A-----	ATAG	---
	AGTGCAGGTAG			TTGGAGCACTTGA	AAGTGCTC	TGC	AGGTAG
				TACA	TTTCACGAG	ATG	TCCATC
					ACATAG	GTTG	AGT
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLA2R1	NM_007366.2	3	TTACCTGCACCTCG	AAA	TCAT	
	AGTGCAGGTAG			TACCAT	GTGC	AGTGCAGGTAG	
					CATG	TCACGTCCATT	
					TAC	C---	

GAM3298	AAAGTGCTCAT PLAC1 AGTGCAGGTAG	NM_021796.1	3	GACCCCTCATGTGA GCACTTT	G CA A AAAGTGCTCATA TG GGT TTTCACGAGTGT AC CCA - TC G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLAC1 AGTGCAGGTAG	NM_021796.1	3	TGACCCCTCATGTG AGCACTTT	G CA AG AAAGTGCTCATA TG GGT TTTCACGAGTGT AC CCA - TC GT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PLAG1 AGTGCAGGTAG	NM_002655.1	3	TTACAAGATATAG CACTTT	C GTGCAG AAAGTGCT ATA GTAG TTTCACGA TAT CATT - AGAA--	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PMM2 AGTGCAGGTAG	NM_000303.1	3	CTGCCCTGCACTC CTGCCTCC	A T TCAT - A AG GC AGTGCAGG TAG C TC CG TCACGTCC GTC C - TCC- C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT POLH AGTGCAGGTAG	NM_006502.1	3	ATACCTGTAAATGC CAGCACTTT	CATAG G AAAGTGCT TGCAGTA TTTCACGA ATGTCCAT CCGTA A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT POLH AGTGCAGGTAG	NM_006502.1	3	TACCTGTAAATGCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TGCAGTA TTTCACGA ATGTCCAT CCGTA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT POLQ AGTGCAGGTAG	NM_006596.2	3	AATATGCACTTAG CACTTT	CAT GGTA AAAGTGCT AGTGCA TTTCACGA TCACGT T-- ATAA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PP AGTGCAGGTAG	NM_021129.2	5	CTCCGGCACTATG A---- AGCGGCTTCAGCA	- A T AAGT GCTCATAGTGC GG AG TTTG CGAGTATCAGC CC TC ACGAC G G -	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT PPGB AGTGCAGGTAG	NM_000308.1	3	CAGCCTGGGGGCA AGTTAGCACTTT	CATAG ---- AG AAAGTGCT TGC AGGT	A

					TTTCACGA	ACG	TCGG	
					TTGA-	GGGG	AC	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PPP1R3A NM_002711.1	3	CTGCCTGCACTCT AAA	-----	T			A
	AGTGCAGGTAG		GTCTCTCCAAGTA GTGCT		CA	AGTGCAGGTAG		
			C CATGA		GT	TCACGTCCGTC		
			---	ACCTCTCT	C			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PPP6C NM_002721.3	3	ATACTTTTATTG		TAGTGC	G		A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCTCA	AGTA			
				TTTCACGAGT	TTCAT			
					TATTT-	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PPP6C NM_002721.3	3	TACTTTTATTGA		TAGTGC			A
	AGTGCAGGTAG		GCACTTT	AAAGTGCTCA	AGTA			
				TTTCACGAGT	TTCAT			
					TATTT-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PRKY NM_002760.1	3	ATGCCCTGCAATCC		CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG		CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA			
				TTTCACGA	ACGTCCGT			
					CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PRKY NM_002760.1	3	TGCCTGCAATCCC		CATAG			A
	AGTGCAGGTAG		AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA			
				TTTCACGA	ACGTCCGT			
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PRND NM_012409.1	3	CTGCCTCCCAAGC	CAT	GC---			A
	AGTGCAGGTAG		TCAAGCACTTT	AAAGTGCT	AGT	AGGTAG		
				TTTCACGA	TCG	TCCGTC		
					AC-	GACCC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PRPS1 NM_002764.2	3	CTACCTGCATTAT AA	CTC				A
	AGTGCAGGTAG		CTCATTTCT	AGTG	ATAGTGCAGGTAG			
				TTAC	TATTACGTCCATC			
				TC	TC-			
GAM3298	AAAGTGCTCAT PRPS1 NM_002764.2	3	CTACCTGCATTAT AA-----	CTC				A
	AGTGCAGGTAG		CTCATTTCTGCTT	AGTG	ATAGTGCAGGTAG			
			C	TTAC	TATTACGTCCATC			
				CTTCGGTC	TC-			

GAM3298	AAAGTGCTCAT PRX AGTGCAGGTAG	NM_020956.1	3	GACCTGCCAGGAG A----- ATAGT A A CACTTGGCCCTG AAGTGCTC GCAGGT TTCACGAG CGTCCA GTCCGG GAC-- G
GAM3298	AAAGTGCTCAT PSEN1 AGTGCAGGTAG	NM_000021.2	3	CACCTTGCACTAT G C - A A TGGACTTT AAAGT CT ATAGTGCA GGT TTTCA GG TATCACGT CCA - T T C
GAM3298	AAAGTGCTCAT PSEN1 AGTGCAGGTAG	NM_000021.2	3	CCACCTTGCACTA G C - AG A TTGGACTTT AAAGT CT ATAGTGCA GGT TTTCA GG TATCACGT CCA - T T CC
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTAFR AGTGCAGGTAG	NM_000952.2	3	ACACCTGTAATCC CATAG AG A CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA CA
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTAFR AGTGCAGGTAG	NM_000952.2	3	CACCTGTAATCCC CATAG A A AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGT TTTCACGA ATGTCCA CCCTA C
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTGIS AGTGCAGGTAG	NM_000961.2	3	CTACCTGCTATGC AA TCATAGT A A GCTAG AGTGC GCAGGTAG TCGCG CGTCCATC GA TAT----
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTGIS AGTGCAGGTAG	NM_000961.2	3	TTGCCGTGTAATCC CATAG A A CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTAG TTTCACGA ATGTCCGTT CCCTA
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTGS2 AGTGCAGGTAG	NM_000963.1	3	CTACCTGCAATGCT T- TCATA A A GTTCCCTTT AAAG GC GTGCAGGTAG TTTC TG TACGTCCATC CT TCG--
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTK2B AGTGCAGGTAG	NM_173176.1	5	CTACCTGCCCGGC A -- CATAGT A A CGACTTA AAGT GCT GCAGGTAG TTCA CGG CGTCCATC A GC CC----

GAM3298	AAAGTGCTCAT PTPN12	NM_002835.2	3	CTACCTGCCTTAT A	CTC-	T	A
	AGTGCAGGTAG			ACTACACTTA	AAGTG	ATAG GCAGGTAG	
					TTCAC	TATT CGTCCATC	
				A	ATCA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTPN12	NM_002835.2	3	CTACCTGCCTTAT A----	CTC-	T	A
	AGTGCAGGTAG			ACTACACTTAGGA	AAGTG	ATAG GCAGGTAG	
				A	TTCAC	TATT CGTCCATC	
					AAGGA	ATCA C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTPN7	NM_002832.2	3	CTACCTGAGAGAA AAA-----	AGTG-		A
	AGTGCAGGTAG			TGAGCACCCCTCA	GTGCTCAT	CAGGTAG	
				TC	CACGAGTA	GTCCATC	
					CTACTCCC	AGAGA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT PTPN7	NM_080588.1	3	CTACCTGAGAGAA AAA	AGTG-		A
	AGTGCAGGTAG			TGAGCACCCC	GTGCTCAT	CAGGTAG	
					CACGAGTA	GTCCATC	
				CCC	AGAGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT PXF	NM_002857.1	3	CTACCTGCAAGST A A	-----	AG	A
	AGTGCAGGTAG			GAAGGAAGGCATC	A GTGC	TCAT TGCAGGTAG	
				C	C TACG	AGTG ACGTCCATC	
				- C	GAAGGA	GA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RAB3B	NM_002867.2	3	AGCCTGTAAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RAB3B	NM_002867.2	3	CGCCTGTAAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RAB7L1	NM_003929.1	3	ACACCTGTAAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RAB7L1	NM_003929.1	3	CACCTGTAAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	



					TTTCACGA	ATGTCCA			
						CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RAD52 AGTGCAGGTAG	NM_134424.1	3	CCCAGTGCAGTTA GAGCTGAGCACTT T	---- AAAGTGCTCA TTTCACGAGT	- TAG TGCAG ATT ACGTC	GTA G	A	
						CGAG	CCCC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBBP5 AGTGCAGGTAG	NM_005057.1	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	AG TGCAGGT ATGTCGG		A	
						CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBBP5 AGTGCAGGTAG	NM_005057.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA	A TGCAGGT ATGTCGG		A	
						CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBL1 AGTGCAGGTAG	NM_002895.1	3	TTCCTGTTICTIAT GATAAAAGCACTT T	----- AAAGTGC TTTCACG	T- TCATAG GCAGG AGTATC TGTTT	TA	A	
						AAAAAT	TT TT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RBL2 AGTGCAGGTAG	NM_005611.2	3	TTGCTGTATATTT GTGATAGCACTTT	-- AAAGTGC TCATA TTTCACG AGTGT	--- GTG CAG TATGTC	GTA	A	
						AT	TTA GTT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RECQL5 AGTGCAGGTAG	NM_004259.2	3	ATACCTGTTATAC CAGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTTCACGA	G GCAGGTA TGTC CAT		A	
						CCATAT	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT RECQL5 AGTGCAGGTAG	NM_004259.2	3	TACCTGTTATACC AGCACTTT	CATAGT AAAGTGCT TTTCACGA	G GCAGGTA TGTC CAT		A	
						CCATAT			
GAM3298	AAAGTGCTCAT RNASEL AGTGCAGGTAG	NM_021133.2	3	ATACCTAGCACTT T	CATAGTGC AAAGTGCT TTTCACGA	G AGGTA TCCAT		A	
						-----	A		

GAM3298	AAAGTGCTCAT RNH AGTGCAGGTAG	NM_002939.2	3	TTATAATCATTAA AGCACTTT	CA AAAGTGCT TTTCACGA A-	CAG TAGTG ATTAC TAA	GIAG TATT	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ROCK2 AGTGCAGGTAG	NM_004850.2	3	ACGCCCTGTAATCC TAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA TCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT ROCK2 AGTGCAGGTAG	NM_004850.2	3	CGCCTGTAATCCT AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA TCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RPS6KA5 AGTGCAGGTAG	NM_004755.1	3	AAACTTATGCAGA GCACITTT	ATAG AAAGTGCTC TTTCACGAG ----	-- TGCA ACGT AT	AG GGT TCA AA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RTKN AGTGCAGGTAG	NM_033046.1	3	CTCCCTGCCTAA CCAGCTTT	GCTCA AAAGT TTTCG ACCA-	T TAGTGCAGG ATCACGTCC C	AG TC	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT RUIX3 AGTGCAGGTAG	NM_004350.1	3	CTGCTTTGCACTA A TCGTTTGCTTG	-- AAGT TTTCG G	TC GC TG TT	- ATAGTGCAG TATCAGTT C-	GTAG CGTC T	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT SCN2B AGTGCAGGTAG	NM_004588.2	3	ACGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SCN2B AGTGCAGGTAG	NM_004588.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C		A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SECTM1 AGTGCAGGTAG	NM_003004.1	3	TACCTGTCCCTTG GCTATGAGCAGGC TTT	-- AAGT TTTCG GA	----- GCTCATAGT CGAGTATCG GTGCC	G GCAGGTA TGTCAT -	A	

GAM3298	AAAGTGCTCAT SEMA3F	NM_004186.2	3	CTACCTGCTGGAC	A T CATAGT		A
	AGTGCAGGTAG			AGCCTCC	A AG GCT GCAGGTAG		
					C TC CGA CGTCCATC		
					C - CAGGT-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SFRP1	NM_003012.2	3	AGAGCTGCACATAT	T --- GTAG		A
	AGTGCAGGTAG			CACGAGCCTTT	AAAG GCTC ATAGTGCAG		
					TTTC CGAG TATCACGTC		
					- CAC GAGA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SFRP1	NM_003012.2	3	GAGCTGCACATATC	T --- GTA		A
	AGTGCAGGTAG			ACGAGCCTTT	AAAG GCTC ATAGTGCAG		
					TTTC CGAG TATCACGTC		
					- CAC GAG		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIGLEC1	NM_052884.1	3	ACGCCCTGTGGTCT	CATAGT AG		A
	AGTGCAGGTAG 1			CAGCACTTT	AAAGTGCT GCAGGT		
					TTTCACGA TGTCCG		
					CTCTGG CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIGLEC1	NM_052884.1	3	CGCCTGTGGTCTC	CATAGT A		A
	AGTGCAGGTAG 1			AGCACTTT	AAAGTGCT GCAGGT		
					TTTCACGA TGTCCG		
					CTCTGG C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIM2	NM_009586.1	3	ACACCTGTAATCC	CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
					TTTCACGA ATGTCCA		
					CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SIM2	NM_009586.1	3	CACCTGTAATCCC	CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
					TTTCACGA ATGTCCA		
					CCCTA C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SLC14A1	NM_015865.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		
					TTTCACGA ATGTCCG		
					CCCTA CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT SLC14A1	NM_015865.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT TGCAGGT		

					TTTCACGA	ATGTCGG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC14A2	NM_007163.2	3	ACGCCGTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCGG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC14A2	NM_007163.2	3	CGCCTGTAAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCGG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC17A5	NM_012434.2	3	ATGCCTGTAGTCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTG	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC17A5	NM_012434.2	3	TGCCTGTAGTCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTG		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC21A2	NM_005630.1	3	TTACCTGCATGCA	AAA	CATA	A
	AGTGCAGGTAG				GGCACCCAG	GTGCT	GTGCAGGTAG	
						CACGG	TACGTCCATT	
					GAC	ACG-		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC26A4	NM_000441.1	3	ATGCCTGTAAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC26A4	NM_000441.1	3	TGCCTGTAAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A3	NM_006931.1	3	ACGCCGTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCGG	
						CCCTA	CA	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A3	NM_006931.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A6	NM_017585.2	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC2A6	NM_017585.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC31A1	NM_001859.1	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SLC31A1	NM_001859.1	3	TGCCCTGTAATCCC	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						CCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMARCD2	NM_003077.2	3	GTATTTGCACTAT	AG	----	G
	AGTGCAGGTAG				TTTGGGAGCAAGT	AA	TGCTC	ATAGTGCAGGTA
					T	TT	ACGAG	TATCACGTTTAT
						GA	GGTTT	G
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMARCD2	NM_003077.2	3	TATTTGCACTATT	AG	----	A
	AGTGCAGGTAG				TTGGGAGCAAGT	AA	TGCTC	ATAGTGCAGGTA
						TT	ACGAG	TATCACGTTTAT
						GA	GGTTT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMG1	NM_014006.2	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SMG1	NM_015092.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	

GAM3298	AAAGTGCTCAT SMURF1	NM_166483.2	3	CTACCTGCGTGTG AAA -- G	A
	AGTGCAGGTAG			GGTTTGCCGC GT GCTCATA TGCAGGTAG	
				CG TGGGTGT GCGTCCATC	
				CGC TT -	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SNTB2	NM_130845.1	3	CTGCTTGTAATGAG AAAG AGT	A
	AGTGCAGGTAG			CAACAA TGCTCAT GCAGGTAG	
				ACGAGTA TGTTCGTC	
				AACA ---	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SOCS5	NM_144949.1	3	CTACCTGCTGTTA A CT TAGT	A
	AGTGCAGGTAG			CTTA AAGTG CA GCAGGTAG	
				TTCAT GT CGTCCATC	
				A T- ----	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SORCS1	NM_052918.2	3	CTACCTGCATTTC AA GCTCAT-	A
	AGTGCAGGTAG			AATTAACATAT AGT AGTGCAGGTAG	
				TCA TTACGTCCATC	
				TA ATTAACT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPAG1	NM_003114.3	3	GGTCTGCACTATA CTC- A	A
	AGTGCAGGTAG			AAACATTTT AAAGTG ATAGTGCAGGT	
				TTTTAC TATCAGTCTG	
				AAAA G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPAG1	NM_172218.1	3	TGGTCTGCACTAT CTC- AG	A
	AGTGCAGGTAG			AAACATTTT AAAGTG ATAGTGCAGGT	
				TTTTAC TATCAGTCTG	
				AAAA GT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPG3A	NM_015915.2	3	AATCTTATTTTTA CAT- C A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT AGTG AGGT	
				TTTCACGA TTAT TCTA	
				ATTT - A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPILC1	NM_178324.1	3	ATGCCGTGTAATCC CATAG G	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	
				TTTCACGA ATGTCCGT	
				CCCTA A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT SPILC1	NM_178324.1	3	TGCCTGTAATCCC CATAG	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT AAAGTGCT TGCAGGTA	

					TTTCACGA	ATGTCGGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAT3	NM_139276.1	3	ACGCCGTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCGG	
						CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAT3	NM_139276.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCGG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAU	NM_017453.1	5	TTACCTGCATTGG	CT	T	A
	AGTGCAGGTAG				TTCACTTT	AAAGTG	CA AGTGCAGGTAG	
						TTTCAC	GT TTACGTCCATT	
						TT	-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	STAU2	NM_014393.1	3	CTACCTGCAGCTA	AAAG	-----	-
	AGTGCAGGTAG				AGCAGTGAGCAGA	TGCTCAT	AG TGCAGGTAG	A
					A	ACGAGTG	TC ACGTCCATC	
						AAG-	ACGAA G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUDD	NM_003831.2	3	AAACCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	AA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUDD	NM_145906.1	3	AACCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCA	
						CCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SULT1C1	NM_001056.2	5	CTACCTGCTGAGC	AAA	TAGT	A
	AGTGCAGGTAG				GCCCC	GTGCTCA	GCAGGTAG	
						CGCGAGT	CGTCCATC	
						CCC	----	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SULT2A1	NM_003167.2	3	TGTCTGTAATCCC	CATAG	GT	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAG A	
						TTTCACGA	ATGTC T	
						CCCTA	TG	

GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUV39H2	NM_024670.2	3	ACACCTGTGATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	GTGTCCA		
						CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUV39H2	NM_024670.2	3	CACCTGTGATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	GTGTCCA		
						CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SUV39H2	NM_024670.2	3	TACCAAGCAAGGG	ATAG-----	A-	G	A
	AGTGCAGGTAG				GAATGGAGCACTT	AAAGTGCTC	TGC	GGTA	
					T	TTTCACGAG	ACG	CCAT	
						GTAAAGGGGA	AA	-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SWAP70	XM_049197.5	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	SWAP70	XM_049197.5	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TBXAS1	NM_001061.2	5	CTACCTGCAGAGC	AAA	ATAG		A
	AGTGCAGGTAG				ACGGT	GTGCTC	TGCAGGTAG		
						CACGAG	ACGTCCATC		
					TGG	----			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TBXAS1	NM_030984.1	5	CTACCTGCAGAGC	AAA-----	ATAG		A
	AGTGCAGGTAG				ACGGTTCACATAA		GTGCTC	TGCAGGTAG	
					G	CACGAG	ACGTCCAT		
						GAATACCCCTGG	----		
					G				
					C				
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TCF7	NM_003202.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						CCCTA	CA		



GAM3298	AAAGTGCTCAT TCF7 AGTGCAGGTAG	NM_003202.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCGG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	GTGCCCTGTAATCC CAGCACTTT	CAT AAAGTGCT TTTCACGA CCC	G AGTGCAGGTA TCATGTCCGT G	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEM7 AGTGCAGGTAG	NM_020405.3	3	TGCCTGTACTCCC AGCACTTT	CAT AAAGTGCT TTTCACGA CCC	AGTGCAGGTA TCATGTCCGT	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEP1 AGTGCAGGTAG	NM_007110.3	3	ACGCTTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTTGG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEP1 AGTGCAGGTAG	NM_007110.3	3	CGCTTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTTGG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEX15 AGTGCAGGTAG	NM_031271.2	3	ATATTGGCAATGA AGCACTTT	- AG AAAGTGCT CAT TTTCACGA GTA A --	AG G TGC GTA ACG TAT GT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT TEX15 AGTGCAGGTAG	NM_031271.2	3	TATTGGCAATGAA GCACTTT	- AG AAAGTGCT CAT	AG TGC GTA	A

				TTTCACGA	GTA	ACG	TAI		
				A	--	GT			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TGFB1	NM_000660.1	3	ACGCCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						TCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TGFB1	NM_000660.1	3	CGCCTGTAATCCT	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
						TTTCACGA	ATGTCCG		
						TCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFAIP1	NM_021137.3	3	CTGCCCTTGCCCTT	A	TAGT	-	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTTC	AAAGTGCTCA	GCA	GGTAG	
						TTCACGAGT	CGT	CCGTC	
						C	CCC-	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFAIP1	NM_021137.3	3	CTGCCCTTGCCCTT	A-----	TAGT	-	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTTCTGGA	AAAGTGCTCA	GCA	GGTAG	
					G	TTCACGAGT	CGT	CCGTC	
						GAGGTC	CCC-	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003844.2	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG	OA			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003844.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG	OA			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003840.2	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG	OD			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFRSF1	NM_003840.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG	OD			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
						TTTCACGA	ATGTCCGT		
						CCCTA			

GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFSF14	NM_172014.1	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNFSF14	NM_172014.1	3	TCGCCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
						TTTCACGA	ATGTCCG	
						CCCTA	CT	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TNNT2	NM_000364.1	5	AAACCTGCACTGA	GCTCA	AG	A
	AGTGCAGGTAG				CTTT	AAAGT	TAGTGCAGGT	
						TTTCA	GTACAGTCCA	
						-----	AA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TP53	NM_000546.2	3	GGCCTGCACTGGT	TG CAT	A	A
	AGTGCAGGTAG				GTTTT	AAAG CT	AGTGCAGGT	
						TTTT GG	TCACGTCCG	
						GT ---	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRIM8	NM_030912.1	3	CTTCCTGTAGTGA	AG	T	A
	AGTGCAGGTAG				GCACTTT	AAAGTGCTCAT	TGCAGG AG	
						TTTCACGAGTG	ATGTCC TC	
						--	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM1	NM_002420.3	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G	A
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						TCCTA	A	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM1	NM_002420.3	3	TGCCCTGTAATCCT	CATAG		A
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA	
						TTTCACGA	ATGTCCGT	
						TCCTA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM2	NM_003307.1	3	CTGCCCTGCCACT	AA	TA --	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTGG	AGTGCTCA	GTG CAGGTAG	
						TCACGAGT	CAC GTCCGTC	
						GG	-- CG	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	TRPM2	NM_003307.1	3	CTGCCCTGCCACT	AA-----	TA --	A
	AGTGCAGGTAG				GAGCACTGGCCGA	AGTGCTCA	GTG CAGGTAG	
					G	TCACGAGT	CAC GTCCGTC	
						GAGCCGG	-- CG	

GAM3298	AAAGTGCTCAT TRPS1	NM_014112.1	3	GTACTTGTTTGTA	CATAGT	G	A
	AGTGCAGGTAG			AAGCACTTT	AAAGTGCT	GCAGGTA	
					TTTCACGA	TGTTTCAT	
					AATGTT	G	
GAM3298	AAAGTGCTCAT TRPS1	NM_014112.1	3	TACTTGTTTGTA	CATAGT		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	GCAGGTA	
					TTTCACGA	TGTTTCAT	
					AATGTT		
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSC2	NM_021056.1	3	CTCCTGCACGTGSC	A T CAT	T	A
	AGTGCAGGTAG			CTTG	AAG GCT	AGTGCAGG AG	
					TTC CGG	TCACGTCC TC	
					G - ---	-	
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSLP	NM_138551.1	5	TTGCCGCCTATGA	AAAG	T A	A
	AGTGCAGGTAG			GCAGCCA	TGCTCATAG GC	GGTAG	
					ACGAGTATC CG	CCGTT	
				ACCG	- -		
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSNAX	NM_005999.2	3	AGCCCTGTAATCC	CATAG	AG	A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	CA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT TSNAX	NM_005999.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	
					TTTCACGA	ATGTCCG	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBB	NM_018955.2	3	TTACTCTGCACTA	A - C	-	A
	AGTGCAGGTAG			TAGCCATTTG	AAGTG CT	ATAGTGCAG GTAG	
					TTTAC GA	TATCACGTC CATT	
					G C -	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBB	NM_018955.2	3	TTACTCTGCACTA	A-----	- C -	A
	AGTGCAGGTAG			TAGCCATTTGCCCC	AAGTG CT	ATAGTGCAG GTAG	
				CA	TTTAC GA	TATCACGTC CATT	
				ACCCCG	C -	T	
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2B	NM_003337.1	3	CACCTGTAGTCCC	CATAG	A	A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT	

					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTG	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2B	NM_003337.1	3	CCACCTGTAGTCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCA		
					CCCTG	CC		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2G2	NM_003343.3	3	ACGCCTGCAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ACGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UBE2G2	NM_003343.3	3	CGCCTGCAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ACGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UPK1B	NM_006952.2	3	ATGCCCTGTAATCC	CATAG	G		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA	A		
GAM3298	AAAGTGCTCAT UPK1B	NM_006952.2	3	TGCCTGTAATCCC	CATAG			A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTA		
					TTTCACGA	ATGTCCGT		
					CCCTA			
GAM3298	AAAGTGCTCAT USP14	NM_005151.2	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		
GAM3298	AAAGTGCTCAT USP14	NM_005151.2	3	CGCCTGTAATCCC	CATAG	A		A
	AGTGCAGGTAG			AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	C		
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL	NM_000551.1	3	ACGCCTGTAATCC	CATAG	AG		A
	AGTGCAGGTAG			CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT		
					TTTCACGA	ATGTCCG		
					CCCTA	CA		

GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	ACGCCTGTAATCT CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CTCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	ATGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	G TGCAGGT ATGTCCG A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	CGCCTGTAATCTC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CTCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VHL AGTGCAGGTAG	NM_000551.1	3	TGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	TGCAGGT ATGTCCG	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT VSX1 AGTGCAGGTAG	NM_014588.3	3	AATTTGTGATTGA AAGCACTTT	CA AAAGTGCT TTTCACGA AA	- TAGT GCAGGT GTA TGTITA G A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WEE1 AGTGCAGGTAG	NM_003390.2	3	ATATCCCACTGGG AGCACTTT	A AAAGTGCTC TTTCACGAG G	CA TAGTG GGTA GTCAC CTAT C- A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WEE1 AGTGCAGGTAG	NM_003390.2	3	TATCCCACTGGGA GCACCTTT	A AAAGTGCTC TTTCACGAG G	CA TAGTG GGTA GTCAC CTAT C-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WIG1 AGTGCAGGTAG	NM_022470.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A

GAM3298	AAAGTGCTCAT WIG1 AGTGCAGGTAG	NM_022470.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WSX1 AGTGCAGGTAG	NM_004843.2	3	ACGCCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCG CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT WSX1 AGTGCAGGTAG	NM_004843.2	3	CGCCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCG C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT XRCC2 AGTGCAGGTAG	NM_005431.1	3	ATGCCCTGTGATCC TAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA TCCTA	G TGCAGGTA GTGTCCGT A	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT XRCC2 AGTGCAGGTAG	NM_005431.1	3	TGCCCTGTGATCCT AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA TCCTA		A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF136 AGTGCAGGTAG	NM_003437.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF136 AGTGCAGGTAG	NM_003437.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	A TGCAGGT ATGTCCA C	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF137 AGTGCAGGTAG	NM_003438.1	3	ACACCTGTAATCC CAGCACTTT	CATAG AAAGTGCT TTTCACGA CCCTA	AG TGCAGGT ATGTCCA CA	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT ZNF137 AGTGCAGGTAG	NM_003438.1	3	CACCTGTAATCCC AGCACTTT	CATAG AAAGTGCT	A TGCAGGT	A

					TTTCACGA	ATGTCCA	
					CCCTA	C	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF174	NM_003450.1	5	CTACCTGCGACAG	----	CATAG
	AGTGCAGGTAG				CTTGAACITTT	AAAGT	GCT
						TTTCA	CGA
						AGTT	CA---
							GCGTCCATC
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF264	NM_003417.1	3	TTACCTGTAATCC		CATAG
	AGTGCAGGTAG				TAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGTAG
						TTTCACGA	ATGTCCATT
						TCCTA	
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF264	NM_003417.1	3	TTATCAGCAATTT		CATAG
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGC
						TTTCACGA	ACG
							CTATT
						TTTA-	A
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF36	XM_168302.2	3	ACGCCCTGTAATCC		CATAG
	AGTGCAGGTAG				CAGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT
						TTTCACGA	ATGTCCG
						CCCTA	CA
GAM3298	AAAGTGCTCAT	ZNF36	XM_168302.2	3	CGCCTGTAATCCC		CATAG
	AGTGCAGGTAG				AGCACTTT	AAAGTGCT	TGCAGGT
						TTTCACGA	ATGTCCG
						CCCTA	C